جهت تهیه فایل WORD این مقاله به سایت DaneshResan.com مراجعه نمایید و عنوان مقاله را جستجو کنید
بیش از ۲ میلیون مقاله فارسی در این سایت موجود میباشد

در
پژوهش و سازندگی
منابع طبیعی شماره ۷۸، بهار ۱۳۸۷

مطالعه سیتوژنتیکی در دو گونه نعنا
(*Mentha longifolia* و *Mentha spicata*)

• **حسین زینلی**
استادیار مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان اصفهان
• **احمد ارزانی**
استاد دانشگاه صنعتی اصفهان
• **خورشید رزمجو**
استاد دانشگاه صنعتی اصفهان
دانشیار دانشگاه صنعتی اصفهان
• **محمد باقر رضایی**
دانشیار موسسه جنگل‌ها و مراتع کشور
تاریخ دریافت: دی ماه ۱۳۸۵ تاریخ پذیرش: فروردین ماه ۱۳۸۶
Email: hoszeinali@yahoo.com

چکیده

تحقیقات سیتوژنتیکی در جنس Mentha نشان داده است که جنس Mentha یک گروه پلی پلوئیدی، با تعداد کروموزوم متنوع است. این وضعیت شناسایی تاگزونومیکی گونه‌های Mentha را با مشکل مواجه ساخته است. مطالعه تنوع سیتوژنتیک بر روی دوازده ژنوتیپ نعنا متعلق به دو گونه *Mentha longifolia* و *Mentha spicata* که در منطقه مرکزی ایران (کاشان، اصفهان و محلات) موجودند، اجرا گردید. مشخصات سیتوژنتیک همانند تعداد کروموزوم، طول و عرض کروموزم، طول و عرض بزرگترین وکوچکترین کروموزم و متوسط طول و عرض کل ژنوم محاسبه شدند. نتایج نشان داد که هر سه ژنوتیپ متعلق به گونه *M .longifolia* دارای تعداد کروموزم ۲۴= ۲n بودند. در حالیکه ژنوتیپ‌های مورد مطالعه مربوط به گونه *M. spicata* از سطوح مختلف پلوئیدی از قبیل دیپلوئید، تریپلوئید و تتراپلوئید برخوردار بودند. بدین ترتیب نه ژنوتیپ متعلق به گونه *M. spicata* که در این مطالعه استفاده شدند در حقیقت سیتوتیپ‌های این گونه بوده‌اند. ژنوتیپ‌های شماره یک، چهار وهشت، دارای سطوح دی پلوئیدی، ژنوتیپ‌های شماره دو، سه، هفت ودوازده تریپلوئید و ژنوتیپ‌های شماره نه و ده دارای سطوح تتراپلوئید بودند. در بین ژنوتیپ‌های گونه *M. longifolia* متوسط طول کروموزم‌ها از ۵۶ /۰ میکرون در ژنوتیپ شماره شش تا ۹۳ /۰ میکرون در ژنوتیپ شماره پنج متغیر بود. در بین ژنوتیپ‌های گونه *M. spicata* متوسط طول کروموزوم از ۵۲ /۰ میکرون در ژنوتیپ شماره دوتا ۸۸ /۰ میکرون در ژنوتیپ شماره هشت متغیر بود.

کلمات کلیدی: سیتوژنتیک، کروموزوم، طبقه‌بندی تاکزونومیکی، سیتوتایپ

جهت تهیه فایل WORD این مقاله به سایت DaneshResan.com مراجعه نمایید و عنوان مقاله را جستجو کنید
بیش از ۲ میلیون مقاله فارسی در این سایت موجود میباشد

Pajouhesh & Sazandegi No:78 pp: 34-40

Study of cytogenetic in *Mentha spicata* and *M. longifolia*

By: H. Zeinali, A. Arzani, Gh. Razmjoo, M.B. Rezaei

Isfahan Agriculture Research Center,Isfahan University of Technology and Research Institute of Forests and Rangelands

Several cytogenetic investigation suggested that Mentha is a group of polyploids, with different chromosome numbers reported for each of the several species. This may cause the taxonomic confusion among the species. This study was carried out to evaluate the cytogenetic properties of 12 genotypes belonging to *M.longifolia* and *M. spicata*, collected from central regions of Iran. Several cytogenetic characteristics such as number of chromosomes, average of chromosome length and width, the largest and smallest chromosome length and width and total chromosome length and width were recorded for each of genotype. Results showed the number of chromosome in three genotype of *M. longifolia* were 24. Also result of chromosome numbering showed that genotypes number 1, 4 and 8 of *M. spicata* were diploid and genotypes number of 2, 3, 7 and 12 were triploid and genotypes number of 9 and 10 were tetraploid. Nine genotype of *M. spicata* representing three cytotypes including diploid, triploid, and tetraploid. Among the three genotype of *M. longifolia*, average length of chromosome ranged from 0.56 micron in genotype six to 0.93 micron in genotype number five. Among nine genotype of *M. spicata*, average length of chromosomes ranged from 0.52 micron in genotype number two to 0.88 in 8 genotype.

Key words: Cytogenetic, Chromosome, Taxonomical classification, Cytotype

مقدمه

تعداد زیاد کروموزوم‌ها، کوچک بودن و روی هم قرار گرفتن آن‌ها درصفحه متافازی تجزیه و تحلیل کاریوتیپ را در جنس Mentha با مشکل مواجه نموده است (۱۹). Harley و Brighton(۵) اندازه کروموزوم‌ها را در جنس Mentha در گستره طولی ۲-۰/۵ میکرون گزارش نمودند. بیشتر مطالعات تعدادکروموزوم‌ها را به عنوان خصوصیتی ثابت و مهم تکاملی دانسته و از آن به عنوان معیاری مناسب جهت جداسازی تاکسونی از تاکسون‌های دیگر نام برده اند(۲،۱). درحالیکه چندین تحقیق سیتولوژیکی درجنس Mentha نشان داده است که این جنس یک گروه پلی‌پلوئیدی، با تعدادکروموزوم مختلف برای هرکدام از گونه‌های مورد مطالعه بوده است. این موضوع منجر به سردرگمی و پیچیدگی‌های تاکسونومیکی گونه‌های آن شده است(۲۰). ضمن اینکه مطالعه روند تکاملی این جنس به لحاظ عواملی از قبیل تعداد کروموزوم متفاوت درون گونه‌های یکسان، ماهیت پلوئیدی (اتو یا آلوپلی پلوئیدی)، تعداد کروموزوم پایه متفاوت و نقش پلی‌پلوئیدی در تکامل آن با مشکل مواجه می باشد(۲۰).

Schurhoff (۱۴) با بررسی تعداد کروموزوم جنس Mentha گزارش نمود که جنس Mentha یک گروه پلی‌پلوئیدی است که از طریق چند برابر شدن عدد پایه کروموزومی۹ ایجاد شده است.Ruttle (۱۳) تنوع وسیعی را در تعداد کروموزوم‌های جنس Mentha مشاهده نموده است و گزارش کرد که تعداد کروموزوم در این جنس در دامنه ای بین ۱۸ تا ۹۶ (۱۸، ۲۰ و ۲۴، ۳۶، ۴۸، ۷۲، ۹۶= 2n) متغیر بوده است و لذا تعداد پایه کروموزوم در زیر جنس Menthustrum از جنس Mentha را برابر با ۱۲ پیشنهادکرد. Nagao (۹) با بررسی کروموزوم‌های سوماتیک نشان دادکه تعدادی گونه‌های Mentha شامل چندین سیتوتایپ با تعداد کروموزوم متفاوت بوده‌اند، بطوریکه *M. spicata* دارای ۴۸ و ۳۶ = 2n کروموزوم و *M. piperita* دارای ۸۴، ۷۲، ۶۸= 2n کروموزوم، و *M. arvensis* دارای ۹۲، ۶۴،۹۰= 2n کروموزوم بودند. براساس این مشاهدات استنباط شده است که ممکن است پلی‌پلوئیدی شامل ژنوم‌های با تعداد پایه کروموزومی۱۲= x و مجموعه دیگری از تعدادکروموزوم‌های نامشخص باشد. Ikeda و همکاران (۶) با بررسی ۳۷ نمونه از ۱۱ گونه Mentha تنوع تعداد کروموزومی را در دامنه‌ای بین ۲۴= 2n تا ۱۲۰= 2n کروموزوم گزارش کرده‌اند و مشاهده نمودند که جنس Mentha مشتمل برتعدادی گونه با سیتوتایپ‌های دی - تری - تترا - پنتا - هگزا - هپتا - اکتا و دکاپلوئید با تعداد پایه کروموزومی۱۲=x بوده‌اند. قابل ذکر است که ۶ تا از ۱۱ گونه مورد بررسی در جنس Mentha دارای دو یا تعداد بیشتری سیتوتایپ مختلف بودند و به عنوان مثال تعدادکروموزوم ۴x، ۳x، ۲x و۴x+۶ درگونه *M. spicata* و ۸x، ۶x و۱۰x در گونه‌های *M. piperita* و *M. gentilis* مشاهده شده بودند(۲۰).

مطالعاتی که در ارتباط با روابط جغرافیایی و تنوع تعداد کروموزوم در گونه *M.arvensis* انجام شده است نشان دادکه تعداد کروموزوم گونه *M.arvensis* که درکشورهای شرق و غرب اروپا و در کشورهای آسیایی رشد می‌کنند به ترتیب شامل ۷۲= 2n و ۹۶= 2nکروموزوم بوده، درصورتی‌که گونه *M. arvensis* که در آمریکای شمالی رشد می‌کند دارای سیتوتایپ‌های ۳۶،۷۶،۹۶ = 2n عدد کروموزومی است(۱۷،۱۲،۵).

Sobti (۱۸) گزارش کردکه *M. longifolia* و *M. rotundifolia* به طور مورفولوژیک به قدرکافی متفاوت هستندکه در دوگونه تاکزونومی مجزا قرارگیرند، درحالیکه از لحاظ تفاوت‌های ساختاری در کروموزوم‌های آنها در دو گروه قرار نمی‌گیرند، تنها مانعی که آنها را در دو گونه مجزا قرار داده

جهت تهیه فایل WORD این مقاله به سایت DaneshResan.com مراجعه نمایید و عنوان مقاله را جستجو کنید
بیش از ۲ میلیون مقاله فارسی در این سایت موجود میباشد

است توزیع جغرافیایی آنها می‌باشد. *M.longifolia* از لحاظ جغرافیایی در آسیا انتشار دارد. ولی *M. rotundifolia* در اروپا کشت می‌شود. شمارش کروموزومی شش کلن *M. arvensis* که از لحاظ مورفولوژیک با هم تفاوت داشتند نشان دادکه تعداد کروموزوم سوماتیک در این کلن‌ها از ۲n=۶۴ تا ۲n=۱۰۸ متغیر بوده است. سه کلن از کلن‌های بررسی شده شامل تعداد پایه کروموزومی x=۱۲ بودند، ولی سه کلن دیگر شامل تعدادی آنیوپلوئید همانند ۶۴،۹۰،۹۸ = ۲n بودند. انواعی ازآنیوپلوئیدی در نعنا توسط چندین محقق گزارش شده است (۳، ۱۳، ۱۵، ۲۲). به هر حال مطالعه تنوع ژنتیکی با استفاده از نشانگرها ازجمله نشانگرهای سیتوژنتیک برای اجرای طرح‌های به نژادی نعنا ضروری است. هدف از این مطالعه مقایسه تعداد و مورفولوژی کروموزوم‌های ۱۲ ژنوتیپ نعنا متعلق به دو گونه *M. spicata* و *M. longifolia* بوده است.

مواد و روش‌ها

الف- مواد ژنتیکی

مواد ژنتیکی شامل ۱۲ ژنوتیپ پونه سنبله ای و پودنه بودکه از مناطق مرکزی ایران (کاشان، محلات، و اصفهان) جمع آوری شده بودند. نمونه‌های هرباریومی از دوازده ژنوتیپ پونه سنبله‌ای و پودنه تهیه شد و در بخش گیاه شناسی دانشکده کشاورزی، دانشگاه ساسکاتون[1] واقع در ایالت ساسکاچوان کانادا شناسایی شدند. در مرکز تحقیقات کشاورزی اصفهان نگهداری و تکثیر شدند(جدول ۱).

از رنگ آمیزی استو- آهن هماتوکسیلین[2] برای مطالعه کروموزوم‌های متافازی سلولهای مریستمی نوک ریشه استفاده گردید. مراحل اجرای روش استو آهن هماتوکسلین به شرح زیربوده است.

جدول۱- نواحی جغرافیایی، شماره ژنوتیپ و نام علمی دوازده ژنوتیپ پونه سنبله‌ای (*M. spicata*) و پودنه (*M. longifolia*)

شماره ژنوتیپ	نام گونه شناسایی شده	منشا جغرافیایی
شماره یک	*M. spicata*	کاشان
شماره دو	*M. spicata*	کاشان
شماره سه	*M. spicata*	اصفهان
شماره چهار	*M. spicata*	اصفهان
شماره پنج	*M. longifolia*	کاشان
شماره شش	*M. longifolia*	اصفهان
شماره هفت	*M. spicata*	کاشان
شماره هشت	*M. spicata*	محلات
شماره نه	*M. spicata*	اصفهان
شماره ده	*M. spicata*	کاشان
شماره یازده	*M.longifolia*	کاشان
شماره دوازده	*M. spicata*	اصفهان

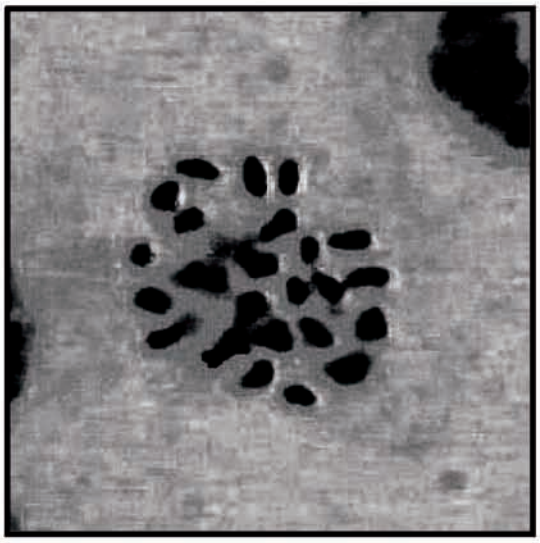
ازآنجایی‌که ریشه‌های حاصل از ریزوم دارای کیفیت مناسبی جهت بررسی کروموزوم‌های متافازی نبودند. لذا جهت بدست آوردن ریشه‌های با کیفیت مناسب، ساقه‌های اصلی ژنوتیپ‌ها پونه سنبله‌ای و پودنه در مزرعه برداشت شدند و در محلول هیدروپونیک قرارگرفتند. پس از دو تا سه هفته ساقه‌ها ریشه‌دار شدند. ریشه‌های به طول ۷ تا ۸ میلی‌متر از هر ژنوتیپ در ساعت ۹ صبح برداشت شدند و در محلول آلفا برمو نفتالین اشباع به مدت شش ساعت پیش تیمار گردیدند.

پس از طی مدت شش ساعت پیش تیمار، ریشه‌ها به ظرف محتوای آب مقطر انتقال یافته و شستشو داده شدند. برای اینکه تعداد سلول‌های متوقف شده در مرحله متافاز بیشتر باشد شستشو به مدت ده دقیقه در آب یخ انجام گرفت. ریشه‌ها پس از شستشو با استفاده از کاغذ صافی خشک شدند و به محلول تثبیت لویتسکی منتقل گردیدند. از محلول لویتسکی به عنوان تثبیت کننده و جلوگیری از کوتاه شدن بیش از حد کروموزوم‌ها استفاده شد. این ماده مخلوطی از اسیدکرومیک یک درصد و فرمالدئید ده درصد بود.

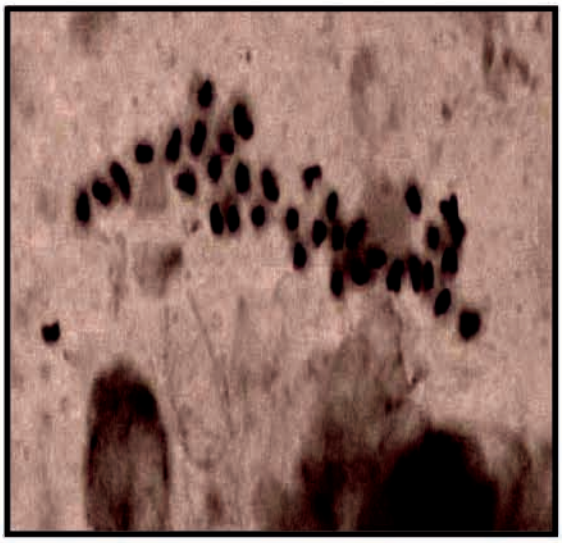
اسید کرومیک موجود درمحلول، باعث اکسیداسیون اجزای ساختمانی کروموزوم‌ها و فرمالدئید موجب محکم شدن اجزاء کروموزوم‌ها شده و ساختمان کروموزوم‌ها را حفظ می‌کند. مدت زمان لازم برای تثبیت ۲۴-۴۸ ساعت بوده است. در این مطالعه مدت زمان، ۳۶ ساعت به‌عنوان بهترین زمان شناخته شد. مرحله تثبیت در یخچال با دمای ۴ درجه سانتی گراد انجام گرفت. پس از سپری شدن ۳۶ ساعت، ریشه‌ها به مدت ۳ ساعت با آب معمولی شستشو شدند. سپس ریشه‌ها به اتانول ۷۰ درصد منتقل گردیدند و دریخچال در دمای ۴ درجه سانتیگراد به مدت ۲۴ ساعت نگهداری شدند. سپس ریشه‌ها از الکل خارج شده و به مدت نیم ساعت با آب مقطر شستشو شدند. پس از اینکه ریشه‌ها با استفاده ازکاغذ صافی خشک گردیدند. جهت انجام عمل هیدرولیز مورد استفاده قرار گرفتند.

۱۰ تا ۱۵ میلی لیتر از محلول یک نرمال هیدروکسید سدیم را در داخل بشر ریخته، و در حمام بخار آب با دمای ۶۰ درجه سانتیگراد قرار داده شد. پس از رسیدن دمای محلول به ۶۰ درجه سانتیگراد ریشه‌ها به داخل محلول هیدرولیز منتقل گردیدند. در مطالعه حاضر ۱۷ دقیقه به عنوان بهترین زمان برای هیدرولیز تشخیص داده شد. پس از هیدرولیز، ریشه‌ها به مدت ۳۰ دقیقه در داخل ظرف آب مقطر شستشو داده شد. نیم ساعت قبل از رنگ آمیزی، رنگ استو- آهن هماتوکسیلن آماده شده از یخچال خارج شده و صاف گردید. سپس ریشه‌های با کمترین آب مازاد، در داخل رنگ قرار داده شدند. تعداد ریشه‌ها نبایستی بیش از ۵۰ درصد حجم رنگ را اشغال کند. پس از بستن درب لوله‌ها، شیشه‌های حاوی ریشه و رنگ در دمای ۲۵-۳۰ درجه سانتی گراد قرار گرفتند. مدت زمان رنگ آمیزی متغیر بود، ولی در این بررسی، برای جلوگیری از رنگ شدن بیش از حد کروموزوم‌ها و نیز ممانعت از شکستن آن‌ها در زمان اسکواش، مدت ۱۶ ساعت رنگ آمیزی بهترین نتیجه حاصل شد. پس از رنگ آمیزی، ریشه‌ها حداقل برای نیم ساعت با آب مقطر شسته شدند وجهت تهیه نمونه آماده شدند. یکی از نوکهای ریشه برداشته شد و روی یک لام تمیز قرار گرفت ویک قطره اسید استیک ۴۵ در صد به آن اضافه گردید. به وسیله یک سوزن طوری به نوک ریشه ضربه وارد گردید تا قطعات ریشه به صورت ذرات غبار و ریز روی اسید شناور شدند. بعد از آن یک لامل به آرامی‌روی قطره اسید استیک حاوی سلول‌ها گذاشته

شـد و با ضرباتی به چهار طرف لامل قطعات ریشـه اسـکواش کامل شدند. بلافاصله دو قطره محلول آقایف (شامل ۱۰ قسمت اسید استیک ۴۵ درصد ویک قسـمت اسید لاکتیک خالص) چهار گوشـه لامل اضافه شد.که پس از نفـوذ بـه زیر لامل و خارج نمودن هوای زیر لامل، مقـدار اضافی آن با کاغذ صافی خارج گردید. محلول آقایف از نفوذ هوا به مدت یک ساعت به زیر لامل جلوگیری نموده و فرصت مناسـبی برای مطالعه نمونه‌ها فراهم می‌نماید. در نهایت لام‌ها زیر میکروسـکوپ نوری نیکون[۳] مـدل E۶۰۰ Eclpse مجهز به دوربین دیجیتال فوجی ایکس[۴] مدل ZI-HC۳۰۰موردمشـاهده قرارگرفته و متافازهای مناسب در زیرعدسی با بزرگ نمایی ۱۰۰ میکروسکوپ شناسایی شـدند. با استفاده از دوربین که به میکروسکوپ ذکر شده متصل بود تصاویر با اسـتفاده از نرم افزار فتوگـراب ۴۰۰ زد[۵] در حافظه کامپیوتر ضبط گردید. تعـداد کروموزوم، اندازه طول کروموزوم، عرض کروموزوم و طول کل ژنوم به



B- سیتوتایپ *M. longifolia* با ۲۴ کروموزوم



A- سیتو تایپ *M. Spicata* با ۳۶ کروموزوم

D- سیتو تایپ *M. spicata* با ۴۸ کروموزوم

C- سیتو تایپ *M. spicata* با ۲۴ کروموزوم

شکل ۱- سیتو تایپ‌های کروموزومی در دو گونه *M. spicata* و *M. longifolia*

جدول ۲- تعدادکروموزوم، آمار توصیفی طول کروموزوم در ژنوتیپ‌های پونه سنبله ای و پودنه (*M. longifolia* و *M. spicata*)

ژنوتیپ	۱	۲	۳	۴	۵	۶	۷	۸	۹	۱۰	۱۱	۱۲
تعداد کروموزوم	۲۴	۳۶	۳۶	۲۴	۲۴	۲۴	۳۶	۲۴	۴۸	۴۸	۲۴	۳۶
دامنه طول کروموزوم (میکرون)	۰/۹۶	۰/۳۹	۰/۵۶	۰/۹۹	۱/۰۹	۰/۳۹	۰/۷۸	۱/۱۳	۰/۶۳	۱/۳۵	۰/۶۴	۰/۵۳
کوچکترین طول کروموزوم(میکرون)	۰/۴۲	۰/۳۹	۰/۵۳	۰/۴۶	۰/۴۹	۰/۳۵	۰/۳۵	۰/۴۲	۰/۳۹	۰/۵۶	۰/۴۲	۰/۳۹
بزرگترین طول کروموزوم(میکرون)	۱/۳۸	۰/۷۸	۱/۰۹	۱/۴۵	۱/۵۸	۰/۷۴	۱/۱۳	۱/۵۵	۱/۰۲	۱/۹۱	۱/۰۶	۰/۹۲
مجموع طول کل کروموزوم(میکرون)	۱۷/۶۹	۱۸/۵۴	۲۵/۹۴	۱۵/۵۶	۱۹/۵۸	۱۲/۹۵	۲۴/۸۰	۲۱/۲۲	۲۸/۱۳	۳۸/۴۳	۱۴/۸۴	۱۸/۴۴
میانگین طول یک کروموزوم(میکرون)	۰/۷۴	۰/۵۲	۰/۷۲	۰/۶۸	۰/۹۳	۰/۵۶	۰/۷۱	۰/۸۸	۰/۵۹	۰/۸۲	۰/۶۲	۰/۵۶
انحراف معیار طول کروموزوم (میکرون)	۰/۲۷	۰/۰۹	۰/۱۵	۰/۲۲	۰/۳۳	۰/۱۲	۰/۲۰	۰/۳۶	۰/۱۳	۰/۲۶	۰/۱۸	۰/۱۵
ضریب تغییرات	۳۶/۵	۱۷/۳	۲۱/۰	۳۲/۳	۳۵/۵	۲۱/۴	۲۸/۲	۴۰/۹	۲۲/۰	۳۱/۷	۲۹/۰	۲۶/۸

جدول ۳- آمار توصیفی عرض کروموزوم در ژنوتیپ‌های پونه سنبله‌ای و پودنه (*M. longifolia* و *M.spicata*)

ژنوتیپ	۱	۲	۳	۴	۵	۶	۷	۸	۹	۱۰	۱۱	۱۲
دامنه عرض کروموزوم(میکرون)	۰/۵۰	۰/۳۲	۰/۵۳	۰/۸۹	۱/۰۹	۰/۴۶	۰/۶۳	۰/۸۱	۰/۶۰	۰/۹۹	۰/۴۶	۰/۴۶
کوچکترین عرض کروموزوم(میکرون)	۰/۲۸	۰/۳۲	۰/۴۲	۰/۴۲	۰/۳۵	۰/۲۵	۰/۳۲	۰/۳۲	۰/۳۵	۰/۴۶	۰/۳۲	۰/۳۲
بزرگترین عرض کروموزوم(میکرون)	۰/۷۸	۰/۶۴	۰/۹۵	۱/۳۱	۱/۴۱	۰/۷۱	۰/۹۵	۱/۱۳	۰/۹۵	۱/۴۵	۰/۷۸	۰/۷۸
مجموع عرض کل کروموزومها(میکرون)	۱۲/۴۱	۱۵/۶۱	۲۱/۳۶	۱۳/۷۵	۱۴/۵۴	۹/۵۱	۱۹/۴۶	۱۵/۸۴	۲۲/۵۰	۳۲/۸۳	۱۱/۹۰	۱۶/۰۳
متوسط عرض یک کروموزوم(میکرون)	۰/۵۲	۰/۴۳	۰/۵۹	۰/۵۹	۰/۶۹	۰/۴۱	۰/۵۷	۰/۶۶	۰/۴۷	۰/۷۰	۰/۴۹	۰/۴۸
انحراف معیار عرض کروموزوم(میکرون)	۰/۱۳	۰/۰۷	۰/۱۲	۰/۱۹	۰/۲۵	۰/۱۰	۰/۱۵	۰/۲۴	۰/۰۹	۰/۲۰	۰/۱۳	۰/۱۲
ضریب تغییرات (درصد)	۲۵/۰	۱۶/۳	۲۰/۳	۳۲/۲	۳۶/۲	۲۴/۴	۲۶/۳	۳۶/۴	۱۹/۱	۲۸/۶	۲۶/۵	۲۵/۰

طور تقریبی برای هر ژنوتیپ اندازه‌گیری گردید.

نتایج و بحث

نتایـج مطالعات سـیتوژنتیکی دوازده ژنوتیپ پونه سـنبله‌ای و پودنه درجداول ۲ و۳ خلاصه شده است. شـمارش تعداد کروموزوم‌های متافازی دوازده ژنوتیـپ پونه سـنبله ای وپودنـه متعلق به دوگونـه *M.longifolia* و*M.spicata* نشـان داد که ژنوتیپ‌های شـماره پنج، شـش و یازده ازگونه *M.longifolia* دارای ۲۴ کرومـوزوم و به صـورت دیپلویید بوده اند(جدول ۲ و شـکل ۱). Chambers و Hummer (۴)،Harley و Brighton(۵) تعداد کروموزوم‌های گونه *M.longifolia* را ۲۴ و ۴۸ و عدد پایه کروموزومی‌آن را ۱۲ گزارش نمودند. به نظر می‌رسد این گونه منشاء اولیه گونه‌های تتراپلویید وگونه‌های دیگر پونه سنبله‌ای باشـد(۷، ۲۰). در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه گونه *M.spicata* سـطوح مختلف پلوئیـدی از قبیل دیپلویـد، تریپلویید وتتراپلویید وجود داشـت (جدول ۲ و شکل ۱). بنابراین به نظر می‌رسدکه نـه ژنوتیپ مورد اسـتفاده از گونه *M. spicata* درحقیقت سـیتوتیپ‌های[۶] گونه *M. spicata* باشـند. نتایج نشان دادکه ژنوتیپ‌های شماره یک، چهار و هشت دارای سطوح دیپلویید، ژنوتیپ‌های شماره دو، سه، هفت و دوازده تریپلویید و ژنوتیپ‌های شـماره نه و ده دارای سـطوح تتراپلویـد بودند. عموماً مرورتعدادکروموزوم گونه‌های خویشاوند مربوط به یک جنس خاص، مبین تعدادکروموزوم متفاوت آنهاست،که بیشترین تفاوت‌ها ناشی از پدیده پلی پلوئیدی است. به همین ترتیب در جنس Mentha این تفاوت‌ها درحد بالائی وجود دارد، به‌نحوی‌کـه در آن گونه‌هایی با۱۲۰و، ۷۲، ۳۶، ۲۴= ۲n کرومـوزوم گزارش گردیده اسـت (۱۶). چنین گونه‌های بـه ترتیب به نام دیپلویـد، تریپلویـد، تترا پلویید، هگزا پلویید، اوکتا پلویـد و دکا پلویید بـا عدد پایه ژنومی۱۲ شـناخته می‌شـوند(۲۰). عدد پایه کروموزومـی‌در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه پونه سنبله ای (*M.spicata*) هماهنگ باگزارشات دیگران دوازده بود(۴،۱۲ ، ۲۰). Chambers (۴) سطوح پلویدی ۲۴، ۳۶، و ۴۸ را برای گونه *M. spicata* گزارش نموده‌اند. نتایج تحقیقات گزارش شده در Mentha نشان می‌دهدکه تعداد کروموزوم‌ها نه تنها از تنوع بین گونه‌ای برخوردار اسـت بلکه دارای تغییـرات درون گونه‌ای نیزمی‌باشـد (۴، ۱۲). دلایل ممکن برای تنوع موجود می‌تواند به لحاظ هیبریداسیون بین گونه‌ای و شـرکت گرده‌های کاهش یافته و نیافته درتلاقی‌ها و تلاقی‌های برگشتی باشـد (۸، ۱۰، ۱۱ ، ۲۲). Tygaj و Ahmad(۲۱) بـا تلاقی بین گونه‌ای *M. spicata* نر عقیم با ۷۲ کروموزوم و *M. piperita* نر بارور با ۱۲۰ کروموزوم تعدادی هیبرید با تعداد کروموزوم از ۳۶ تا ۱۱۵ کروموزوم را بدسـت آورند و نتیجه گرفتند هیبرید با ۳۶ کروموزوم ممکن اسـت از طریق سلول تخم هاپلویید بارور نشـده یا از باروری نرمال با حذف انتخابی کروموزوم بدست آمده باشد.

در بین ژنوتیپ‌های گونه *M.longifolia* متوسـط طول کروموزوم‌ها از ۰/۵۶ میکرون درژنوتیپ شـماره شـش تا ۰/۹۳ میکرون در ژنوتیپ شماره پنج متغیر بود (جدول۲). بزرگترین کروموزوم در ژنوتیپ‌های شماره پنج، شـش و یازده به ترتیب دارای طولی برابر با ۱/۵۸، ۰/۷۴ و ۱/۰۶ میکرون وکوچکترین کروموزوم در ژنوتیپ‌های پنج، شـش و یازده به ترتیب دارای طولی برابر با ۰/۴۹، ۰/۳۵ و ۰/۴۲ میکرون بودند. بیشـترین دامنه تغییرات طـول کرومـوزوم به ژنوتیپ شـماره پنج تعلق داشـت(جدول۲). مجموع طول کل کروموزوم‌ها در ژنوتیپ‌های شـماره پنج، شـش و یازده به ترتیب برابـر با ۱۹/۵۸، ۱۲/۹۵ و۱۴/۸۴ میکرون بودند(جدول۲). متوسـط عرض کروموزوم‌ها در ژنوتیپ شـماره پنج بیشتر ازمتوسط عرض کروموزوم‌ها در ژنوتیپ شماره شش و یازده بود (جدول ۳). دامنه تغییرات عرض کروموزوم در ژنوتیپ‌های شـماره پنج، شـش و یازده به ترتیب برابر با ۱/۰۹، ۰/۴۶ و ۰/۴۶ میکرون بوده است. پهن ترین کروموزوم در ژنوتیپ شماره پنج وجود داشـت و عـرض آن برابر با ۱/۴۱ میکرون بـود. در حالیکه کم عرض ترین کروموزوم در ژنوتیپ شماره شش برابر با ۰/۲۵ میکرون بود(جدول ۳).

اطلاعـات درباره آمـاره توصیفی کروموزومهای نـه ژنوتیپ ازگونه *M. spicata* درجـداول دو نشـان دادکه مجموع طـول کروموزوم‌هـا در بین ژنوتیپ‌های گونه *M.spicata* از ۱۵/۵۶ میکرون در ژنوتیپ شـماره چهار تا ۳۸/۴۳ میکرون در ژنوتیپ شماره ده متغیر بوده است. بزرگترین کروموزوم در ژنوتیـپ شـماره ده و کوچکترین کرومـوزوم در ژنوتیپ شـماره هفت مشـاهده شد. بیشترین دامنه تغییرات طول کروموزوم به ژنوتیپ شماره ده وکمترین آن به ژنوتیپ شـماره دو تعلق داشت. متوسط طول کروموزوم در بین نه ژنوتیپ از ۰/۵۲ میکرون در ژنوتیپ شـماره دوتا ۰/۸۸ میکرون در ژنوتیپ هشت متغیر بود.

متوسـط عرض کرومـوزوم دربین ژنوتیپهـای گونـه *M.spicata* از ۰/۴۳ میکرون در ژنوتیپ شـماره دوتا ۰/۷۰ میکرون در ژنوتیپ شماره ده متغیر بود. مجموع عـرض کروموزوم‌ها در بین ژنوتیپ‌ها از۱۲/۴۱ میکرون در ژنوتیپ شـماره یک تـا ۳۲/۸۳ میکرون در ژنوتیپ شـماره ده متفاوت بود(جدول ۳).

پاورقی‌ها

1-Saskatoon
2-Aceto- iron -hamatoxylin
3- Nikon
4-Digital fujix
5-Photograb-400 Z
6-Cytotypes

منابع مورد استفاده

۱- خسروی، احمد رضا.۱۳۷۵؛ تاکسونومی‌گیاهی و سیستماتیک زیستی، انتشارات دانشگاه شیراز، شیراز.

۲- معصومـی، علی اصغـر. ۱۳۶۴. گوناگونی و پیدایش انـواع گیاهان عالی، اصول بنیادی سیستماتیک مدرن، انتشارات واحد فوق برنامه بخش فرهنگی دفتر مرکزی جهاد دانشگاهی.

3- Bienvenu, F., L. Peterson and J. Edwards.1990; Native and Scotch Spearmint oil production in Tasmonia and Victoria, A report for the rural industries research and development corporation, RIRDC publication, 99:147.

4- Chambers, H., and K.E. Hummer. 1994;Chromosome counts in the mentha collection at the USDA-ARS national clonal germplasm repository, Taxon, 43, pp. 423-432.

5- Harley, R. M. and C.A. Brighton. 1997; Chromosome numbers in the genus mentha. J.Linn. Soc. Bot., 74, 71-96.

6- Ikeda, N., S. Shimizu, D. Karasawa, T. Origasa, and S. Ono. 1970;*Mentha arvensis* L. var. piperascens Mal. Which grows wild in the north-eastern part of Japan II. The scientific Report of the Faculty of Agriculture, Okayama University, No.36, 1-11.

7- Ikeda, N., and S. Udo. 1966; Studies on *Mentha arvensis* L. Jap. J. Breed.16, 251- 259.

8- Morton, J.K. 1956; The chromosome number of the British mentha, Watsonia,3, 244-252.

9- Nagao, S. 1941; The number of chromosomes in some species and varieties of mentha,J. Sapporo Soc. Agric. Forestry, 33, 28-36.

10- Olssen, U. 1967; Chemotaxonomic analysis of some cytotypes in mentha× verticillata complex, Botaniska Nostiser, 120, 255-267.

11- Ouweneel, W. J. 1968; Cytotaxonomic studies in the genus mentha in the Netherlands, Proc. K. Nederlandse Academic van Wetenschappen, 71,184-188.

12- Patra, N. K., H. Tanveer, N.K. Tyagi, and S. Kumar. 2000; Cyto- taxonomical, status and genetical and breeding perspectives of mentha, J. of Medicinal and Aromatic Plant Sci., 22, 419-430.

13-Ruttle, M. L. 1931; Cytological and embryological studies on the genus mentha, Cartenbauwissenschaft, 4, 425-468.

14- Schurhoff, P. N. 1929; Zytologische und genetische untersuchungen an mentha und ihrebedeutung fur die pharmakognoise, Arch. Pharm. Und ber. Deut. Pharma. Ges., 267, 515-526.

15- Sharma, A. K., and N.K. Bhattacharyya.1959;Cytological studies on different species of Mentha with special reference to the occurrence of chromosomal biotypes, Cytologia, 24, 198-212.

16- Singh, T. P., A.K. Sharma. 1986; Mentha- taxonomic status as interpreted through cytology, genetics and phytochemistry, Indian J. Genet., 46, 198-208.

17- Sobti, S. N., 1964.Induced polyploidy in the English black, Curr. Sci.,33, 149-153.

18- Sobti, S. N.1969; Interspecific hybrid in the genus mentha, *Mentha longifolia× M. rotundifolia*, Cytologia, 36, 121-125.

19- Stebbins, G. 1950.Chromsomal evolution in higher plants, London, 1950.

20- Tsuchiya, T., and P.K. Gupta. 1991; Chromosome engineering in plants: Genetics, breeding, evolution, part B, Amsterdam.

21- Tyagi, B. R., and T. Ahmad.1989; Chromosome number variation in an F1 interspecific hybrid progeny of mentha, Cytologia, Tokyo, 54, 355-358.

22- Tyagi, B. R., and A.A. Naqvi. 1987; Relevance of chromosome number variation to yield and quality of essential oil in *Mentha arvensis* L. Cytologia, 52, 377-385.